


Revisión bibliográfica

Métodos de mejora genética en el cultivo del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) frente al Virus del Mosaico Dorado Amarillo del Frijol (BGYMV)

Arianna Morales-Soto^{1*} 

Alexis Lamz-Piedra¹ 

¹Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), carretera San José-Tapaste, km 3½,
Gaveta Postal 1, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba. CP 32700

*Autor para correspondencia: ariannams95@inca.edu.cu

RESUMEN

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es uno de los cultivos de mayor importancia en América Latina, dentro de las leguminosas por el elevado contenido de nutrientes que posee, su producción se ha visto limitada por la presencia de múltiples enfermedades, resaltando entre ellas el Virus del Mosaico dorado Amarillo del frijol (BGYMV). El mejoramiento genético ha permitido el uso eficiente del material genético disponible, incorporando nuevos genes de resistencia a esta enfermedad en nuestro país, con el fin de generar cultivares con alta resistencia genética. La tecnología de los marcadores moleculares ha revolucionado estos programas, sirviendo como herramienta fundamental en la identificación y selección de estos genes para el mejoramiento de los cultivos.

Palabras clave: frijol, marcadores moleculares, resistencia a virus

Recibido: 05/07/2019

Aceptado: 07/07/2020

INTRODUCCIÓN

El frijol común constituye la especie más importante dentro de las leguminosas por el elevado contenido de nutrientes que posee. Este grano proporciona una fuente esencial de proteínas, vitaminas y minerales a la dieta de las poblaciones en América. Se plantea que el contenido de proteínas en las semillas secas de los frijoles oscila alrededor del 20 %,

proporción que es significativamente favorable puesto que lo ubica en una posición ventajosa respecto a otros alimentos de origen vegetal en países de bajos recursos sobre todo en los en vías de desarrollo ^(1,2).

P. vulgaris es uno de los cultivos más antiguos, hallazgos arqueológicos indican que se conocía por lo menos 5000 años antes de la era cristiana. El género *Phaseolus* es originario del continente americano y un largo número de especies fueron encontradas en Centroamérica. El género lo comprenden alrededor de 70 especies, de las cuales cinco fueron domesticadas y cultivadas (*Phaseolus vulgaris* L., *Phaseolus dumosus* Macfad., *Phaseolus coccineus* L., *Phaseolus acutifolius* A. Gray y *Phaseolus lunatus* L.). De las cinco especies, *P. vulgaris*, es la que mayoritariamente se cultiva alrededor del mundo (cerca del 90 % del área cultivada), este cultivo actualmente se encuentra distribuido en los cinco continentes y es un componente esencial de la dieta, especialmente en Centroamérica y Sudamérica ⁽³⁾.

Estudios en este siglo se han realizado experimentos y los resultados ratifican el origen Mesoamericano y Sudamericano de *P. vulgaris*, que dieron lugar a los acervos genéticos actualmente conocidos ⁽⁴⁾.

La producción mundial de este cultivo sobrepasó los 26000000 t en el 2016 con un rendimiento de 0,91 (t ha⁻¹). En Cuba durante ese año la superficie sembrada de frijol común alcanzó las 122545 ha, lográndose una producción de 136570 t, con un rendimiento agrícola de 1,11 t ha⁻¹ donde el sector privado sembró 117753 ha, que representa más del 95 % del total. La producción en este sector ascendió a 130225 t y el rendimiento fue de 1,11 t ha⁻¹. El sector estatal sembró 4792 ha, alcanzando un rendimiento agrícola de 1,32 t ha⁻¹ ^(5,6).

EL frijol común en Cuba se consume en forma de granos secos y se dedica exclusivamente al consumo humano. Se considera un alimento estratégico y constituye junto al arroz, la dieta básica de los cubanos, en la que el frijol aporta alrededor de la quinta parte de las proteínas totales consumidas ⁽⁵⁾.

En nuestro país la producción se garantiza fundamentalmente por el sector no estatal, cobrando importancia en los últimos años. La producción de este grano enfrenta problemas de bajos rendimientos relacionados además con la baja fertilidad de los suelos, la sequía y las afectaciones por plagas ⁽³⁾.

Satisfacer la creciente demanda alimentaria de la especie humana es un tema de extraordinaria importancia y vigencia en todos los tiempos. Por ello, en todo el mundo, numerosos investigadores laboran incesantemente en la búsqueda de soluciones agroecológicas, pues a lo largo de los años los campesinos a nivel de campo han utilizados

químicos con varias dosis para contrarrestar las enfermedades y así obtener mayores rendimientos para cumplir y satisfacer las demandas alimentarias ⁽⁵⁾.

Diversas son los insectos, plagas, enfermedades y virus que dañan el cultivo del frijol entre los que se encuentran Crisomélido común (*Diabrotica balteata* Leconte), Crisomélido común de los frijoles (*Cerotoma ruficornis* Olivier), Mosca blanca (*Bemisia tabaci* Gennadius), Salta hoja del frijol (*Empoasca kraemeri* Ross y Moore), Thrips de los melones (*Thrips palmi* Karny), Minador común (*Liriomyza trifolii* Blanchard), Fusariosis (*Fusarium solani* f.sp. *phaseoli* SCHLTDL.), Mildiu polvoriento (*Erysiphe betae* (Vanha) Weltzien) Roya del frijol (*Uromyces appendiculatus* (Link) Unger), Tizón ceniciento (*Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid), Tizón sureño (*Corticium rolfsii* (Curzi) C.C.Tu & Kimbr), Bacteriosis común (*Xanthomonas axo-nopodis* pv. *phaseoli* Pammel & Dowson), mosaico común (*Bean Common Mosaic Necrosis Virus*- BCMNV), Mosaico dorado amarillo del frijol (*Bean Golden Yellow Mosaic Virus*- BGYMV), Mosaico Amarillo (*Bean Yellow Mosaic Virus* BYMV), siendo este último informado como determinante en las bajas producciones del cultivo en Cuba, provocando daños severos y cuantiosas pérdidas ⁽⁷⁾.

La enfermedad viral de mayor importancia causada por begomovirus que afecta al frijol en América Latina es el mosaico dorado amarillo del frijol (BGYMV), señalado por primera vez en Brasil, el que se diseminó a regiones productoras de Argentina y Bolivia, donde alcanzó valores de incidencia del 80 % y pérdidas entre el 40-100 %, y se convirtió en la década de los ochenta en la enfermedad más devastadora del cultivo de todos los tiempos ⁽⁸⁾.

Desde inicios de la década de los setenta del pasado siglo fueron señalados en Cuba los síntomas de amarillamiento en el frijol causados por el mosaico dorado del frijol asociado a poblaciones de moscas blancas ⁽⁹⁾. Este virus provocó, en las campañas de los años 1989-1990 y 1990-1991, porcentajes máximos de infección, lo que conllevó la destrucción de más de 1000 ha del cultivo. Posteriormente, con la presencia del biotipo B de *Bemisia tabaci* Gennadius, a finales de la década de los noventa, la enfermedad alcanzó afectaciones del 90 % y se convirtió en el principal patógeno viral del frijol común en el país ⁽⁸⁾.

Los estudios hasta la actualidad en Cuba relacionados con este virus se basaron en aspectos epidemiológicos sin existir referencias sobre caracterización y métodos de diagnóstico para su detección. Por otra parte, las medidas que se han implementado en la región para proteger al cultivo de enfermedades virales se han basado en la utilización de

variedades mejoradas genéticamente con resistencia a mosaico dorado, la aplicación de plaguicidas para reducir los niveles del insecto vector y la implantación de los manejos integrales ⁽⁸⁾.

La introducción de cultivares con un mejor comportamiento contra esta enfermedad y la implementación de medidas preventivas y de control en un programa de manejo integrado permitió reducir las pérdidas productivas y Mejorar la sostenibilidad del cultivo ⁽⁹⁾.

Genética del Frijol

El frijol es una especie diploide ($2n=2x=22$), anual y predominantemente autógena. El genoma del frijol es pequeño (635 Mpb/genoma haploide) y similar en su naturaleza como diploide verdadero al de arroz (*Oryza sativa* L.) (340 hasta 560 Mpb/genoma haploide). El tamaño de los cromosomas mitóticos y meióticos es de aproximadamente 1-3µm de longitud, la mayoría de cromosomas son metacéntricos y submetacéntricos y presentan una media de 1,9 quiasmas por cromosomas bivalentes en la meiosis por un entrecruzamiento por brazo del cromosoma. En cuanto a estudios de genómica en frijol común se han reconocido familias pequeñas de genes, como los genes de la actina donde se describieron seis miembros. También se han descrito familias grandes, como los genes análogos de resistencia y genes que codifican para las kinasas. Además, se han identificado muchos genes involucrados en resistencia, producción de isoflavonas y color de la testa. En cuanto al color de la testa, por ejemplo: se ha encontrado que el color de semilla blanco es controlado por un solo gen dominante. El color de testa es controlado por dos pares de genes, RR y CC que producen el color blanco (RC), crema (rC), Rojo (Rc) y rosado (rc) ⁽¹⁰⁾.

En frijol se cuenta con una amplia base genética, la cual se encuentra salvaguardada en diferentes bancos de germoplasma, donde se destaca el del CIAT, que cuenta con más de 37.000 accesiones, de 70 especies diferentes de frijol con orígenes de 112 países distintos, que incluyen tanto especies silvestres, como accesiones de las cinco especies domesticadas: *Phaseolus vulgaris*: fríjol común; *P. coccineus*: ayocote; *P. dumosus* *P. acutifolius*: fríjol tepari y *P. lunatus*: fríjol lima. Con el propósito de proveer diversidad genética para la investigación y el desarrollo se encuentran a disposición de la comunidad científica internacional ^(11,12).

Afectaciones por insectos

Desde las últimas décadas los cultivos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), chile (*Capsicum annuum* L.), tomate (*Solanum lycopersicum* L.) y otras hortalizas, han sido

afectados por diferentes insectos nocivos que han ocasionado grandes daños a los cultivos destacan Salta hoja del frijol (*Empoasca kraemeri* Ross y Moore), Thrips de los melones (*Thrips palmi* Karny) y Mosca blanca (*Bemisia tabaci* Gennadius), siendo esta última informado como determinante en las bajas producciones del cultivo en Cuba, debido a que es vector de varios virus ⁽¹³⁾.

Mosca blanca (*Bemisia tabaci* Gennadius)

Distribución e importancia

La especie *B. tabaci* es un complejo de muchos y diferentes biotipos, algunos especializados sobre determinados hospedantes y otros polífagos. A mediados de los años 90, uno de ellos (el biotipo “B”) fue elegido como nueva especie por algunos investigadores con el nombre de *B. argentifolii*. Este biotipo se caracteriza por ser extremadamente polífago y fecundo, además de inducir síntomas de fototoxicidad en algunas especies vegetales (*Cucurbita spp*), lo que ha sido utilizado como método para diferenciarlo de otros biotipos. También se ha comprobado que los individuos de este biotipo no se diferencian, y de pueden ser cruzados con individuos de por lo menos otro biotipo diferente originando descendencia fértil. Por estas razones, la mayoría de los autores siguen considerando *B. argentifolii* como un biotipo de la especie *B. tabaci* y no una nueva especie. El biotipo B de *B. tabaci* está generalizado en todo el país y es potencialmente transmisora de un gran número de virus. Más de 60 virus pueden ser transmitidos a varios cultivos, entre ellos: Cotton leaf curl disease virus (CLCuV) y Cotton leaf crumple virus (CLCV) en el cultivo del algodón, African cassava mosaic virus (ACMV) en yuca, Tomato yellow leaf curl virus y Tomato mottle virus en el cultivo del tomate, Tobacco leaf curl virus en el cultivo del tabaco, Squash leafcurl virus (SLCV) en calabacín y Bean Golden mosaic virus (BGMV) en frijol ⁽⁷⁾.

Daños al cultivo de frijol por *Bemisia tabaco*

B. tabaci es un insecto vector de geminivirus como BGYMV y que ocasiona daños económicos considerables por su alta resistencia a los insecticidas sistémicos. Además, es una plaga importante por la alta fecundidad, fertilidad y capacidad de transmisión de virus. Se estima que la mosca blanca tiene alrededor de 500 plantas como hospederos teniendo una capacidad invasiva de 200 km de radio ⁽¹⁴⁾.

Los daños que causan se deben tanto al efecto del insecto en las plantas atacadas y a su papel como vectores de enfermedades virales. En su alimentación, la mosca blanca provoca un debilitamiento en la planta por la extracción de nutrientes, afectan el crecimiento y producción del cultivo, desórdenes fisiológicos y la transmisión de virus ⁽¹⁵⁾.

En las últimas tres décadas, *B. tabaci* ha causado pérdidas en millones de dólares en el cultivo de *P. vulgaris*. No obstante, la estimación real del impacto económico de sus poblaciones en la agricultura mundial ha sido difícil de obtener debido a la gran cantidad de áreas afectadas, el número de cultivos y plantas ornamentales involucradas y los diferentes sistemas monetarios.

El daño que ocasiona en el cultivo del frijol se debe a que el *biotipo B.* se alimenta del floema de forma directa, provocando desórdenes fisiológicos, y de modo indirecto, realiza la excreción de melaza que favorece el crecimiento de hongos (e.g. *Capnodium* spp.), además de la transmisión de virus pertenecientes a siete grupos que incluyen *Begomovirus* ⁽¹⁵⁾.

Virus del Mosaico Dorado Amarillo del frijol (BGYMV)

Distribución del virus BGYMV

Muchos de los virus fitopatógenos son transmitidos por insectos, entre los que se encuentra la mosca blanca, *Bemisia tabaci* (Genn.), a la cual se le considera una plaga cosmopolita, polífaga y de las más devastadoras, por su habilidad para adquirir y propagar una diversidad de virus a plantas sanas. Este insecto es capaz de transmitir muchas especies de virus pertenecientes a los géneros *Begomovirus*, *Ipomovirus*, *Crinivirus*, *Carlavirus* y *Torradovirus*. Los *Begomovirus* son virus compuestos por ADN que producen enfermedades que causan pérdidas económicas importantes para los agricultores. Debido a las características de los virus fitopatógenos, a la diversidad de especies y de biotipos del complejo de *B. tabaci*, se utilizan técnicas moleculares para su identificación por su alta sensibilidad y reproducibilidad ⁽¹⁶⁾.

En Centro América y El Caribe, el virus del mosaico dorado amarillo del frijol (BGYMV) es una de las enfermedades más importantes en el cultivo del frijol. Este virus es transmitido por la mosca blanca (*Bemisia tabaci* Genn). La infección se puede percibir induciendo síntomas de amarillamiento y clorosis en las hojas y retraso en el crecimiento. El desarrollo de las hojas posterior a la infección es deforme y su tejido muere eventualmente. La infección del virus afecta el desarrollo de las vainas, reduce el peso, causa deformaciones y reduce el rendimiento de grano. El BGYMV es la enfermedad viral más importante en América Central y puede causar pérdidas de 30 a 100 % dependiendo de la variedad, edad de la planta y la población del vector mosca blanca ⁽¹⁷⁾.

Aparición en Cuba

El género *Begomovirus* es el más numeroso y de mayor importancia de la familia *Geminiviridae*. En Cuba han sido detectadas numerosas especies de begomovirus afectando cultivos de gran importancia económica ⁽¹⁸⁾.

Este virus se encuentra presente en todo el territorio nacional, constituyendo desde el año 1989 la enfermedad que ataca diferentes cultivos de importancia agrícola el país como es el caso del frijol, la soya (*Gycine max* L.) y el tabaco (*Nicotiana tabacum* L.) ⁽⁷⁾.

Síntomas y daños de BGYMV

La principal sintomatología es causada por el BGYMV, especie mesoamericana, debido a que en el cultivo del frijol se distinguen dos especies del virus que causan el síntoma de mosaico dorado: la suramericana, denominada Bean Golden mosaic virus (BGMV), y la mesoamericana, nombrada Bean golden yellow mosaic virus. La primera se transmite solo por moscas blancas y está distribuida en los países de Brasil, Argentina y Bolivia, mientras que la mesoamericana por moscas blancas y por vía mecánica, y se encuentra en República Dominicana, Nicaragua, Costa Rica, Puerto Rico, Haití y México.

Al igual que el BGMV, los síntomas se manifiestan por una marcada deformación de las hojas, muchas de las cuales pueden ocasionalmente volverse completamente amarillas o casi descoloridas. Algunos cultivares presentan síntomas de mosaico menos intensos, y en una etapa posterior de desarrollo pueden presentar algo de recuperación. Las vainas de las plantas infectadas son muy deformes. Las semillas se pueden decolorar, deformar y disminuir de tamaño y de peso. Algunas plantas infectadas en una etapa temprana se pueden atrofiar severamente y a menudo no producen vainas ^(15,19).

La planta infectada por el BGYMV presenta síntomas de clorosis con moteados de color verde oscuro en las hojas que luego se extienden y se tornan color amarillo, produciendo enanismo por la inhibición de fotosíntesis, ya que el virus se replica en la mayor parte de la lámina foliar. Las hojas pueden enrollarse hacia la parte inferior haciendo que las venas se tornen más blancas de lo normal. Las vainas tienden a producir semillas pequeñas, deformes y pierden color. Incluso se puede observar necrosis de la raíz y rayas necróticas que se pueden expandir hacia el tallo y meristemos en variedades hipersensibles. Finalmente, la planta se marchita y muere ocasionando pérdidas significativas en la producción ⁽¹⁴⁾.

Las plantas jóvenes muestran los síntomas en las primeras hojas trifoliadas, con las venas que se tornan de color amarillo claro. Generalmente este proceso comienza en la mitad

de la hoja cerca de la punta. A los 3 o 5 días esta clorosis en las venas se extiende hasta cubrir gran parte de la hoja, contrastando con las zonas internerviales que son verde oscuras. Esta clorosis luego se extiende en forma de mosaico dorado que les da un color llamativo a las plantas. Después que las primeras hojas desarrollan los síntomas, los folíolos jóvenes detienen su crecimiento y se rizan hacia abajo, poniéndose tiesos, coriáceos y a veces necróticos, Si la infección es temprana, la formación de granos es muy pobre o nula y las vainas se deforman. De manera general, las plantas no crecen, las hojas muestran colores anormales, las flores pueden abortar y los frutos se deforman ⁽⁷⁾.

Métodos de control

Ante la incidencia de estas nuevas enfermedades, el manejo dado al problema de los *Begomovirus* en frijol y otros cultivos ha enfatizado principalmente el desarrollo de variedades resistentes, las cuales se obtienen mediante la incorporación combinada de los genes dominantes de hipersensibilidad I y lo genes de resistencia recesivos (bc-u, bc-1, bc-11, bc-2, bc-22 y bc-3) a variedades de frijol susceptibles a virus ⁽²⁰⁾.

Una de las principales fuentes de resistencia a BGYMV se encuentra en el frijol criollo Garrapato (G2402), que contiene al gen recesivo *bgm-1* demostrando que es un gen estable y valioso para generar variedades tolerantes al mosaico dorado amarillo del frijol. El proceso de selección de variedades de frijol resistentes puede acelerarse mediante selección asistida por marcadores moleculares (SAMM). Actualmente se dispone de marcadores moleculares ligados a algunos genes de resistencia a BGYMV⁽²¹⁾.

Manejo Integrado de Plagas

Entre los objetivos del Manejo Integrado de Plagas (MIP) se encuentra reducir el nivel de densidad poblacional de los organismos plaga para que sus daños disminuyan y también los costos de protección y los efectos indeseables de las acciones de control principalmente de los plaguicidas. El MIP es un sistema que integra diferentes tácticas de control que seleccionan los productores de acuerdo a su toma de decisiones según sus condiciones locales y el tipo de plaga, busca usar las tácticas de control basadas en un análisis de costo-beneficio que toma en cuenta los intereses de los productores, la sociedad y el impacto sobre el medio ambiente. Además, tiene como base el control natural por ser sustentable, en combinación con el control cultural, el control genético (uso de plantas resistentes), el control etológico (la técnica del insecto estéril [TIE] y el uso de semi o químicos), el control biológico (uso de depredadores, parasitoides y patógenos) y el uso del control legal que incluye el uso de medidas cuarentenarias que

mitigan el riesgo de entrada de plagas a zonas libres; y como última opción el control químico ⁽²²⁾.

A pesar de las medidas en el control de plagas utilizadas para disminuir las tasas de infección de BGYMV, ha ido en aumento de la incidencia de diversos síntomas amarillentos típicos. Se ha observado presencia de begomovirus en prospecciones realizadas en áreas de principal producción de frijol en los últimos tres años. Recientemente, tres nuevas especies se han reportado en diferentes regiones geográficas en Cuba: el virus del mosaico severo del frijol común (CBSMV), virus del moteado del frijol común (CBMV) en la región occidental ⁽¹⁸⁾.

Mejoramiento genético

El hombre hace más de 1000 años se haya preocupado por mejorar las especies vegetales que usaba para así satisfacer sus diversas necesidades con la menor cantidad de recursos posibles. La producción de alimentos a partir de 1900 ha tenido un gran progreso, el cual ha beneficiado tanto a consumidores como a productores, ya que el mejoramiento genético vegetal ha originado variedades, líneas y híbridos cada vez más productivos y con resistencias a diversos patógenos, insectos, frío, calor, salinidad en suelos, baja fertilidad entre otros. Permitiendo así que la agricultura sea posible en lugares marginales. Sin embargo es necesario continuar investigando para permanecer supliendo las necesidades alimentarias de la población mundial la cual se encuentra en continuo incremento ⁽²⁾.

El progreso del mejoramiento depende de los sistemas genéticos y los métodos de selección disponibles, cuando las características son heredadas en un gen dominante en simple dosis y cuando la presencia de tales genes resulta una completa protección a una enfermedad o en una clara reacción definida. Al contrario si esta protección o clara reacción de la planta no existe o en ausencia del gen, el progreso en el mejoramiento puede hacerse rápidamente. El proceso de mejora es mucho más lento cuando el sistema genético es poligénico y la reacción de las plantas es intermedia ⁽²³⁾.

La mejora genética es la principal herramienta para lanzar cultivares nuevos en el mercado. Los programas de mejoramiento de frijoles enfatizan la exploración de variedades genéticas a través de la hibridación de variedades superiores y contrastantes ⁽²⁴⁾.

Contar con variabilidad genética es el principal paso dentro de un programa de mejoramiento, la cual permite la selección de cultivares para diversos fines, como mayor

rendimiento, contenido de proteínas o aceites, tolerancia a factores bióticos o abióticos, entre otros ⁽²⁴⁾.

La importancia del mejoramiento genético radica en poder corregir aquellas características no deseadas por medio de hibridaciones y métodos específicos de selección con el fin de disminuir pérdidas de grano a la cosecha, incrementar resistencia a plagas y enfermedades así como crear variedades tolerantes que eviten la contaminación y propagación de patógenos resistentes a aplicaciones químicas. El primer paso en un programa de mejoramiento es recurrir a evaluaciones fenotípicas para identificar genotipos resistentes ⁽¹⁴⁾.

La evaluación fenotípica en campo para resistencia a BGYMV consiste en identificar plantas con potencial genético estimando la incidencia y severidad del virus mediante escalas estandarizadas. Así también, la evaluación del efecto del BGYMV en el rendimiento es una variable importante ya que el objetivo final de todo productor es obtener cosechas con el mayor rendimiento posible ⁽¹⁴⁾.

Herramientas de Mejoramiento genético

Dentro de las herramientas de mejoramiento genético disponibles para incrementar la diversidad genética, se mencionan como más importantes, la hibridación, la recombinación y la mutación natural o inducida ⁽¹⁰⁾.

Debido a que esta resistencia depende de la incidencia de moscas blancas virulíferas y del momento de la infección, cuando las poblaciones de mosca blanca están muy altas y hay presencia del virus, se deben utilizar medidas complementarias de control químico. Por lo general, los materiales de grano negro tienen un nivel de resistencia apreciable. Los materiales de origen mexicano (tipo Pinto, Red Mexican, Great Northern) y algunos andinos (tipos Red Kidney), también aportan genes de resistencia al BGYMV en frijol. Se recomienda sembrar el frijol en épocas de lluvia o inmediatamente después de una época lluviosa, cuando las poblaciones de mosca blanca están usualmente bajas ⁽⁷⁾.

Autores sugieren que la siembra del frijol se debe realizar tratando la semilla con un insecticida sistémico. Unos 15 días después de la emergencia de las plántulas, se debe hacer otra aplicación de un insecticida sistémico de nueva generación (de bajo impacto ambiental). Dependiendo de la población de mosca blanca, se puede hacer una segunda aplicación foliar a las dos semanas siguientes, o se puede utilizar insecticidas biológicos en las etapas finales del cultivo. En presencia de una población apreciable de *B. tabaci*; durante el ciclo inicial del cultivo, es necesario proteger las plantas de frijol hasta la etapa de formación de vainas ⁽⁷⁾.

Marcadores Moleculares en la Mejora Genética del cultivo del frijol

Un marcador molecular es simplemente un segmento de ADN con una ubicación específica en un cromosoma que permite diferenciar entre un genotipo y otro a nivel de ADN. Estos pueden ser genes o segmentos de ADN sin ninguna función o codificación conocida. Además, son puntos de anclaje o etiquetas cuando estos se encuentran unidos o cercanos a las secuencias de los genes. Los marcadores moleculares se han convertido en poderosas herramientas para hacer posible la determinación de las características genéticas de las plantas y seleccionar por el genotipo y no por el fenotipo. Los marcadores del ADN se basan fundamentalmente en el análisis de las diferencias en pequeñas secuencias del ADN entre individuos ⁽²⁵⁾.

El mejoramiento asistido con marcadores genéticos (SAM) es una esperanzadora tecnología que permite acelerar el desarrollo de nuevas variedades con rasgos determinados sin necesidad de intervenir en el genoma de las variedades actualmente existentes. Esta técnica se basa en identificar una secuencia singular o única del ADN (marcador molecular) cercana a un carácter de interés agronómico (un gen de resistencia). Una vez logrado esto las plantas portadoras de este carácter agronómico son marcadas, y rápidamente seleccionadas en poblaciones segregantes según presenten o no el marcador desarrollando nuevas variedades con los genes deseado ⁽¹⁰⁾.

Se basan en la amplificación del ADN o parte del mismo, que pueden ser regiones codificantes o no codificantes o secuencias conocidas que permite comparar los genomas dentro y entre especies. La amplificación de los segmentos de ADN se realiza con la técnica del PCR, (Polimerasa Chain Reaction, en inglés; Reacción de cadenas de la polimerasa), como en el caso de los ADN polimórficos amplificados al azar o RAPDs (Random Amplified Polymorphism DNA, siglas en inglés), o en la generación de sitios de corte en la secuencia del ADN, como en el caso de los polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción o RFLPs (Restriction Fragment Length Polymorphisms, siglas en inglés) y dentro de ellos se pueden diferenciar varios tipos como veremos más adelante. Los marcadores moleculares se caracterizan porque su detección es fácil y rápida, muchos son codominantes, hay ausencia de pleiotropismo y epistasia, la expresión es temprana, su distribución es homogénea en muchos casos y presentan un alto polimorfismo (pleiotropía=un único par de genes actúa en la manifestación de varios caracteres) ⁽¹⁰⁾.

La integración de la SAMM con el mejoramiento genético clásico en *P. vulgaris* permite determinar genotipos de resistencia durable a enfermedades. Los mejoradores de frijol tienen además la oportunidad de utilizar genes de resistencia de dos acervos genéticos

diferentes (Mesoamericano y Andino) para obtener la resistencia a los diversos patógenos del frijol. No obstante, los efectos aditivos de los genes ligados en fase de repulsión pueden cancelar el efecto de otro, resultado de la sobredominancia en el locus. Por otra parte, es frecuente detectar QTLs (Quantitative Trait Loci) asociados con la resistencia a enfermedades, aunque su fuerte asociación con el ambiente los convierte en inconsistentes y esto es una limitante para utilizarlos en la SAMM ⁽²⁶⁾.

En el caso del virus del mosaico dorado amarillo del frijol ocurren interacciones epistáticas entre diferentes fuentes de resistencia, lo que dificulta determinar qué fuentes pueden combinarse en el mejoramiento. Una fuente de resistencia con el gen *bgm-1* es "Garrapato" que no desarrolla síntomas del mosaico. Este gen puede ser identificado por inoculación con diferentes cepas virales y una gama de etiquetas de marcadores moleculares están disponibles para cada gen ⁽²⁶⁾.

La compleja interacción de múltiples genes y su naturaleza recesiva permitió la SAMM para el desarrollo rápido de variedades resistente. La piramidación de genes es aplicable en el mejoramiento de frijol para la resistencia de virus con varios genes de resistencia independientes pues proporcionan diferentes patrones de resistencia a virus ⁽²⁶⁾.

Para el desarrollo sostenible de los programas de mejora genética en el cultivo de frijol se requiere: de un desarrollo de procedimientos más confiables y complejos para selección directa (fenotípica) y para la SAMM de características de resistencia; un mejor entendimiento de la herencia y mecanismos de resistencia sobre todo para complejos de estrés; estudios de genética molecular y genómica relevantes para tener un mejor entendimiento de la genética y fisiología de la resistencia; y a su vez integrar los marcadores agregados al mejoramiento para complementar al mejoramiento clásico ⁽²⁶⁾.

Otros métodos de mejora genética

En la actualidad, aun no existe un protocolo eficiente para la transformación genética del frijol. El primer reporte de transformación de frijol fue hecho en la década de los años 90 usando aceleración de partículas por bombardeo. En varios países, las investigaciones usando la técnica de bombardeo de partículas para producir frijol transgénico han generado líneas con resistencia al virus del mosaico dorado amarillo (BGYMV) sin embargo, la eficiencia de transformación reportada es aun baja menor a 0,7 %. Para realizar transformación genética, existen dos vías, mediante técnicas directas como la electroporación, micro inyección y biolística, o por agro infección que utiliza a la bacteria *Agrobacterium tumefaciens*, siendo esta última la más versátil y de amplia

utilización por su repetitividad, pues se sabe que esta bacteria es capaz de introducir un fragmento de ADN en las células vegetales e insertarlo en el genoma ⁽¹⁰⁾.

La técnica de biolística o aceleración de partículas consiste en bombardear células o tejidos con partículas de oro o tungsteno, recubiertas por ADN. Las partículas se aceleran mediante la utilización de un gas inerte, que provoca el impacto sobre el material vegetal y permite que las partículas penetren la pared celular, la membrana celular y membrana nuclear, por lo que una vez en el núcleo el ADN se libera y se da una recombinación para su incorporación dentro del genoma de la célula ⁽¹⁰⁾.

La inducción de mutaciones es una alternativa para generar variabilidad genética no presente en la naturaleza o para obtener genotipos que pueden emplearse como progenitores en programas de fitomejoramiento, al producir nuevas combinaciones genéticas o al incrementar la variabilidad en una población ⁽²⁷⁾.

Los mutágenos pueden ser físicos y químicos. Entre los agentes mutagénicos físicos están los rayos X, gamma, ultravioleta además de iones de carbono. Los mutágenos químicos más comunes son el etil metanosulfonato, sulfato de dimetilo y sulfato de dietilo. La aplicación de la mutagénesis en el mejoramiento genético y en la producción agrícola se inició a principios del siglo XX en cultivos como el maíz (*Zea mays* L.), trigo (*Triticum* sp.), cebada (*Hordeum vulgare* L.), algodón (*Gos-sypium* sp. L.), en plantas ornamentales los rayos gamma son los más, mientras que en el cultivo del frijol se han realizado estudios sobre su efecto en tratamientos que promuevan el desarrollo del embrión y reduzcan las limitaciones germinativas, para lograr uniformidad y aumentar la germinación ⁽²⁷⁾.

CONCLUSIÓN

El desarrollo de un programa de mejora genética para el cultivo del frijol común permite la identificación de fuentes de resistencias al virus del mosaico dorado amarillo del frijol mediante el uso de marcadores moleculares.

BIBLIOGRAFÍA

1. Chaves-Barrantes NF, Polanía JA, Muñoz-Perea CG, Rao IM, Beebe SE. Caracterización fenotípica por resistencia a sequía terminal de germoplasma de frijol común. *Agronomía Mesoamericana*. 2018;29(1):1. Doi:10.15517/ma.v29i1.27618

2. Manuel DMV. Identificación de qtls de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) asociados a tolerancia a sequía. Universidad Nacional de Colombia; 2016.
3. Hernández Ramos A. Insectos plaga y enfermedades asociadas a cuatro cultivares de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Universidad Central "Mata Abreu" de Las Villas; 2018. 1–5 p.
4. Méndez AL. Análisis del crecimiento y rendimiento de tres variedades de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) con diferentes dosis nitrogenadas. Universidad Nacional Agraria La Molina; 2018.
5. Morales-Soto A, Moreno-Ramos D, Lamz-Piedra A. Cultivo del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Cultivos Tropicales. 2019;40(3).
6. Martínez Medina SJ, Valdés GR, Cárdenas M, Querín OG, Sanchez AC. Respuesta morfo siológica de cuatro cultivares comerciales de *Phaseolus vulgaris* en dos tipos de suelo Morpho-physiological response of different commercial genotypes of *Phaseolus vulgaris* in two soil conditions. Centro Agrícola. 2019;46(2):46–57.
7. Francisco M. Enfermedades virales del frijol común en América Latina. 2008.
8. Echemendía Gómez AL, Ramos-González PL, Villarreal Martínez AK, González Arias G, Morales FJ. Caracterización del virus del Mosaico Amarillo Dorado del Frijol en Cuba. Fitosanidad. 2010;14(1):11–7.
9. Murguido Morales CA, Vázquez Moreno L, Elizondo AI, Neyra M, Velázquez Y, Pupo E, Reyes S, Rodríguez I, Toledo C. Manejo integrado de plagas de Insectos en el cultivo del frijol. Fitosanidad. 2002;6(3):29–39.
10. Fernández López OJ, Humberto M, Martínez AD. Caracteres fenológicos, morfológicos, y agronómicos de 26 líneas mutantes de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) En su séptima generación en la búsqueda de genotipos promisorios a potencial de rendimiento, El Salvador. Universidad de El Salvador; 2016. 20–30 p.
11. Salinas AD. El Género *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae, Phaseoleae) para México. 2018.
12. Especiales RP. Ciat, más que investigación - Archivo Digital de Noticias de Colombia y el Mundo desde 1 [Internet]. El Tiempo. 2012. Available from: <https://www.eltiempo.com/archivo/documento/CMS-12261360>
13. Toledo-Perdomo CE. Enemigos naturales nativos de mosca blanca (*Hemiptera: Aleyrodidae*) en el cultivo de ejote francés en Chimaltenango, Guatemala. Ciencia Tecnología y Salud. 2019;6:98–106.

14. Alejandro K, López A. Evaluación de la resistencia de líneas mejoradas de frijol al virus del mosaico dorado amarillo. Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano; 2017.
15. Cuellar ME. Artículo de revisión La mosca blanca Bemisia tabaci (Gennadius) como plaga y vectora de virus en frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Revista Colombiana de Entomología. 2006;32(1):1–9.
16. Trujillo PBT. Virus patógenos de cucurbitáceas y de hospederos alternos transmitidos por el complejo bemisia tabaci (Genn.) En la región Lagunera P. Universidad Autónoma de Nuevo León Facultad de Agronomía VII; 2017.
17. Mejía S, Orlando J. Evaluación de la resistencia de genotipos de frijol al virus del mosaico dorado amarillo y al gorgojo mexicano Zabrotes subfasciatus Boheman (Coleóptera: Chrysomelidae). Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano Honduras; 2019. 1–2 p.
18. Chang-Sidorchuk L, Martínez YZ. Nuevas especies de begomovirus que afectan cultivos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) Y soya (*Glycine max* (L. Merr) en Cuba. Revista Anales de la Academia de Ciencias de Cuba. 2016;8(1):1–7.
19. Chang-Sidorchuk L, González-Alvarez H, Navas-Castillo J, Fiallo-Olivé E, Martínez-Zubiaur Y. Complete genome sequences of two novel bipartite begomoviruses infecting common bean in Cuba. 2017;9–11. Doi:10.1007/s00705-016-3209-9
20. Meneses IDP. Caracterización fenotípica de líneas avanzadas de frijol. Universidad Nacional Agraria La Molina; 2016. 14–15 p.
21. Anaya-lópez JL. Identificación de líneas recombinantes de frijol negro opaco resistentes a BCMV, BCMNV y BGYMV mediante marcadores moleculares Resumen Introducción. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. 2018;9(3):601–14.
22. Edgardo MJ. Manejo Integrado de Plagas. Managua, Nicaragua; 2008.
23. Márquez-Vasallo Y, Salomón-Díaz JL, Acosta-Roca R. Análisis de la interacción genotipo ambiente en el cultivo de la papa (*Solanum tuberosum* L.). Cultivos Tropicales. 2020;41(1):e10.
24. López Colomba E. Inducción de variabilidad genética para tolerancia a estreses abióticos mediante técnicas de cultivo *in vitro* en *Cenchrus ciliaris* L. Universidad Internacional de Andalucía; 2011.
25. González JIG. Uso de marcadores moleculares de ADN asociados con la resistencia a (*Phytophthora capsici*) en el cultivo del chile [Internet]. 2019. p.16. Available

from:

http://www.repositorio.unadmexico.mx:8080/jspui/bitstream/123456789/197/1/PT2_2091-1_ES1421013991.pdf.

26. Gill-Langarica HR, Mayek-Pérez N. Los Marcadores Moleculares en el Mejoramiento Genético de la Resistencia a Enfermedades del Frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): Aplicaciones y Perspectivas. 2008;164–76.
27. Oscar M, Leopoldo E, Cruz-Torres D, Antúnez-Ocampo O, Cruz-Izquierdo S, Sandoval-Villa M. Variabilidad inducida en caracteres fisiológicos de *Physalis peruviana* L. Mediante rayos gamma ^{60}Co aplicados a la semilla. Revista Fitotecnia Mexicana. 2017;40(2).